# align Results

**Please site:** *Pearson, W.R., Wood, T., Zhang, Z., and Miller, W. (1997)*
*Comparision of DNA sequences with protein sequences, Genomics 46: 24-36*

```
>_ HrpW                                    1275 nt vs.
>_ HopPtoA_SEQIDNO6                         1461 nt
scoring matrix: , gap penalties: -12/-2
48.4% identity;          Global alignment score: 5

               10            20            30
878851 ATGAGCATCG------GCATCACACCCCGGCC-------GCAACAGAC----------CA
       ::: ::::       :: ::   :: : :::       :: :: ::         ::
       ATGCACATCAACCGACGCGTCCAACAACCGCCTGTGACTGCGACGGATAGCTTTCGGACA
               10            20            30        40        50        60

               40        50            60            70        80
878851 CCACGCCACTCGATTTTT-----CGGCGCTAAGCG--------GCAAGAGTCCTCAACC-
       :    : :: ::  : ::      : :: ::   :::          ::      :: ::::
       GCGTCCGACGCGTCTCTTGCCTCCAGCTCTGTGCGATCTGTCAGCTCCGATCAGCAACGC
               70        80        90        100       110       120

               90       100           110       120       130
878851 -----AAACACGTTCGGCGAGCAGAACACTCAGCAAGCGATCGACCCGAGTGCACTGTTG
       ::::   :: : :::  :        ::  : :: : :::   ::  :  :::: :
       GAGATAAATGCGATTGCCGATTACCTGACAGATCATGTGTTCGCTGCGCATAAACTGCCG
               130       140       150       160       170       180

               140                   150       160
878851 --------TTCGGC---------AGC-------GACACACAGAAAG---ACGTCAA----
       :::::::         :::       :::   ::: :: :    :    : :::
       CCGGCCGATTCGGCTGATGGCCAAGCTGCAGTTGACGTACACAATGCGCAGATCACTGCG
               190       200       210       220       230       240

               170       180           190       200           210       220
878851 CT--TCGGCACGCCCGACAGCACCGTCCAGAATCCGCAGG----ACGCCAGCAAGCC-CA
       ::  :::  ::::  :: :::   ::: :     : :  :: ::    :: :: :::: :  :
       CTGATCGAGACGCGCGCCAG--CCGCCTGCACTTCGAAGGGGAAACCCCGGCAACCATCG
               250       260           270       280       290

                      230           240               250
878851 ACGACA-----GCCAGTCC----AACATCGCTAAATTG-----------ATCAGT-GCAT
       :::::     ::::   :      ::   :::     ::::           ::::: ::  :
       CCGACACCTTCGCCAAGGCGGAAAAGCTCGACCGATTGGCGACGACTACATCAGGCGCGT
               300       310       320       330       340       350

               260                           270       280
878851 TGAT----------------CATG---TCGTTGCTGCAG---ATGC---------TCACCA
```

```
            ::              ::::    :::::::::: :::    ::::            ::: ::
          TGCGGGCGACGCCCTTTGCCATGGCCTCGTTGCTTCAGTACATGCAGCCTGCGATCAACA
          360       370       380       390       400       410

       290       300       310       320       330       340
878851 ACTCCAATAAAAAGCAGGACACCAATCAGGAACAGCCTGATAGCCAGGCTCCTTTCCAGA
          :    : ::        :: :: : ::   :::    ::: :: :::    ::    :::: :::::: ::
          AGGGCGATTGGCTGCCGG-CTCCGCTCA--AACCGC-TGA---CCCCGCTCATTTCCGGA
          420       430       440       450       460       470

       350       360       370       380       390       400
878851 ACAACGGCGGGCTCGGTACACC--GTCGGCCGATAGCGG--GGGCGGCGGTACACCGGAT
          :    : :::::: :   :   ::: :: :::.    :: :   :: : :::  ::     :::
          GCGCTGTCGGGCGCCATGGACCAGGTGGGCACCAAGATGATGGACCGCGCGACGGGTGAT
                 480       490       500       510       520       530

          410       420       430       440       450
878851 --GCGACAGGTGGCGGCGGCGGTGATACGCCAAGCGCAAC-AGGCGGTGGCGGC---GGT
          ::   :  ::     ::   ::  :      : :: :: : :: : ::: :::: ::    :::
          CTGCATTACCTGAGCGCCTCGCCG----GACAGGCTCCACGATGCGATGGCCGCTTCGGT
                 540       550            560       570      580

       460        470       480       490                   500
878851 GATACTCCGACCGCAACAGGCGGTGG-CGGCAG----------CGGTGGCGGCGG--CAC
          ::  :  ::   :::   :: ::   ::  :: :::          ::: ::  ::::    :::
          GAAGCGCCACTCGC--CAAGCCTTGCTCGACAGGTTCTGGACACGGGGGTTGCGGTTCAG
          590       600       610       620       630       640

       510             520       530       540       550
878851 ACCCACT------GCAACAGGTGGCGGCAGCGG--TGGCACACCCACTG----CAACAGG
          :: :::       :::::: :  :   :  :::   :::: :  :::::    :  : :
          ACGTACTCGGCGCGCAAC-GCCGTACGTACCGTATTGGCTCCGGCACTGGCGTCCAGACC
           650       660       670       680       690       700

          560       570       580       590       600        610
878851 CGGTGGCGAGGGTGGCGT--AACACCGCAAATCACTCCGCAGTTGGCCAACC--CTAACC
          :: :  ::::::: ::  : :   :    ::: :  :    :::    :    :  : :::
          CGCCGTGCAGGGTGCTGTGGACCTTGGTGTATCGATG-GCGGGTGGTCTGGCTGCCAACG
             710       720       730       740       750       760

             620            630       640       650       660
878851 GTACCTCAGGTA----CTGGCTCGGTGTCGGACACCGCAGGTTCTACCGAGCAAGCCGG-
          ::    :: :     :   : :::: ::::  :      ::: :  : ::: :::   :  :::
          CAGGCTTTGGCAACCGCCTGCTCAGTGT--GCAGTCGCGTGATC-ACC-AGCGTGGCGGT
             770       780       790          800       810

             670       680       690       700       710
878851 -CA--AGATCAATGT-----GGTGAAAGACACCATCAAGGTCGGCGCTG-GCGAAGTCTT
          ::  ::   :    ::      ::  :::::  :::    :::  :    :::.::::::
          GCATTAGTGCTCGGTTTGAAGGATAAAGAGCCCA---AGG-CTCAACTGAGCGAAGAAAA
          820       830       840       850       860       870

       720       730            740       750       760       770
878851 TGACGGCCACGGCGC------AACCTTCACTGCCGACAAATCTATGGGTAACGGAGACCA
          ::: : :  :: ::        :  : :::   :  : ::  :    :::: ::: :  ::
          CGACTGGCTCGAGGCTTATAAAGCAATCAAATCGGCCAGCTACTCGGGTG-CGGCGCTCA
          880       890       900       910       920       930

             780       790       800       810       820
878851 GGGC-GAAAATCAGAAGCCCATGTTCGAGCTGGCTGAAGGCG--CTACGTTGAAGAATGT
```

```
             ::  :    ::  :  ::  :  ::        :       ::::  : :  ::::   : :::         ::::
          ACGCTGGCAAGCGGATGGCCGGTCTGCCACTGGAT-ATGGCGACCGACG-----CAATGG
             940        950        960        970        980

          830        840        850        860        870        880
878851 GAACCTGGGTGAGAACGAGGTCGATGGCATCCA-CGTGAAAGCCAAAAACGCTCAGGAAG
          :   :     :::  ::::      :    :      ::  ::::  : :::     ::  ::::::  ::. ::
          GTGC---GGTAAGAAGCCTGGTGTCAGCGTCCAGCCTGA---CCCAAAACGGTCTGGCCC
          990       1000       1010       1020       1030       1040

          890        900        910        920        930        940
878851 TCACCATTGACAACGTGCATGCCCAGA-ACGTCGGTGAAGACCTGATTACGGTCAAA---
          :   :     ::  :       ::::  :     ::    :  : :  :  : :::    ::    ':::       ::
          TGGCGGGTGGCTT--TGCAGGGGTAGGCAAGTTGCAGGAGA--TGGCGACGAAAAATATC
              1050       1060       1070       1080       1090

                    950         960        970        980
878851 --------GGCGAGGGAGGCGCAGCGGTCACTAATCTGAACATC-----AAGAACAGCAG
             ::::::     ::::     :::::::: : :   ::: :: :        : :   : ::::
          ACCGACCCGGCGACCAAGGC--CGCGGTCAGTCAGTTGACCAACCTGGCAGGTTCGGCAG
          1100       1110       1120       1130       1140       1150

                    990       1000        1010       1020                              1030
878851 -----TGCCAAAGGTGCAG-ACGACAAGGTTGTCCAGC--TC-----------AACGCCA
             :  :    :  :  ::  :    ::: :    :  ::  :  : :  ::            :: :::
          CCGTTTTCGCAGGCTGGACCACGGCCGCGCTGACAACCGATCCCGCGGTGAAAAAAGCCG
          1160       1170       1180       1190       1200       1210

                    1040                    1050       1060        1070
878851 ACAC--TCA--CTTGA-------AAATCGACAACTTCAAGGCCGACGATTTCGGCA--CG
             :  :   :::   :    ::       :::::::::  :  ::  ::   :':::       :   :  :    ::
          AGTCGTTCATACAGGACACGGTGAAATCGACTGCATCCAGTACCACAGGCTACGTAGCCG
          1220       1230       1240       1250       1260       1270

          1080       1090       1100       1110       1120       1130
878851 ATGGTTCGCACCAACGGTGGC-AAGCAGTTTGATGACATGAGCATCGAGCTGAACGGCAT
             :        :   :  :::   ::::  :::        :    :  ::::::: ::      :::    :: :      :
          ,ACCAGACCGTCAAAC--TGGCGAAGACCGTCAAAGACATGGGCGGGGAGGCGATC---AC
          1280       1290       1300       1310       1320       1330

          1140       1150       1160       1170       1180
878851 CGAAGCTAACCACGGCAAGTT-CGCCCT--GGTGAAAA----GCGACAGTGAC--GATC-
             :  :     ::  :   ::  :    ::  :::    :  ::: :      :  ::: :::  : :::
          CCA---TACCGGCGCCAGCTTGCGCAATACGGTCAATAACCTGCGTCAACGCCCGGCTCG
                     1340       1350       1360       1370       1380

          1190       1200       1210       1220       1230       1240
878851 TGAAGCTGGCAACGGGCAACATCGCCATGACCGACGTCAAACACGCCTACGATAAAACCC
             :::::::  :  :    ::  :    ::   :    :   :::  :    : ::  :      :: :::
          TGAAGCTGATATAG---AAGAGGG----GGGC-ACGGCGGCTTCTCCAAGTGAAATACC-
          1390       1400            1410       1420       1430

          1250       1260       1270
878851 AGGCATCGACCCAACACACCGAGCTTTGA
             :   ::: :: :       ::        : :
          --GTTTCGGCCTATGCGGTCG-----TAA
          1440       1450       1460

Elapsed time:  0:00:00
```